bild der wissenschaft 19.06.2012

Der Planet der Mischlinge

Denisovaner, Neandertaler, archaische Zentralafrikaner – von diesen ausgestorbenen Frühmenschen stammen bis zu 7,5 Prozent der Erbinformation in heutigen Menschen. Genetiker vermuten: eine segensreiche Mitgift.

„NICHTS IST WIRKLICH einfach!" Ein häufiger Spruch, wenn unerwartete Komplikationen auftreten. Kein Motto könnte daher besser auf die aktuelle Situation der Paläoanthropologie passen. Denn viele der bis in die Schulbücher gelangten einfachen Gewissheiten der letzten 25 Jahre über die angebliche Entwicklung des anatomisch modernen Menschen sind jetzt nur noch Makulatur.

Bisher schienen sowohl Fossilfunde als auch genetische Untersuchungen an der heute lebenden Weltbevölkerung zu belegen: Vor etwa 70 000 Jahren verließen moderne Menschen ihren Heimatkontinent Afrika, besiedelten einen Kontinent nach dem anderen und verdrängten überall die archaischen Vorgänger, beispielsweise die Neandertaler – ohne dass es jemals zu Vermischungen gekommen wäre. Indes: „Dieses puristische ‚Out of Africa'-Szenario ist tot", kommentiert trocken John Hawks von der University of Wisconsin in Madison. „Zwar stammen mehr als 90 Prozent der Gene heutiger Europäer, Asiaten und Ureinwohner Amerikas von anatomisch modernen afrikanischen Auswanderern ab. Aber es gab einen erheblichen Gen-Fluss von archaischen Menschen ins Erbgut dieser Afrikaner."

ARCHAISCH + MODERN = HYBRID

Der amerikanische Anthropologe und Genetiker, der mit seiner Arbeitsgruppe auf der Suche nach archaischen Einsprengseln das menschliche Genom durchforstet, ist überzeugt: „Die Populationen haben sich ständig vermischt, nachdem der moderne Mensch Afrika verlassen hatte. Ein sehr komplexer Prozess – sehr schwer nachzuvollziehen!" Offensichtlich: In den vergangenen zwei Jahrzehnten hatten die Forscher vergeblich nach Beweisen für „ Hybridisierungen" gesucht – für Kreuzungen von modernen und archaischen Menschen. Doch seit zwei Jahren bricht sich Schlag auf Schlag die Erkenntnis Bahn: Es ist tatsächlich passiert. Und mehr als nur ein Mal.

· Mai 2010: Ein Team um Richard Green und Svante Pääbo vom Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie (MPI-EVA) veröffentlicht in Leipzig den ersten Gen-Sequenz-Entwurf des Neandertalers. Die genetische Information stammt aus erhaltenen DNA-Fragmenten in fossilen Neandertaler-Knochen. Der DNA-Vergleich mit fünf heute lebenden Menschen – zwei Afrikanern, zwei Eurasiern, einem Ozeanier – erbringt die spektakuläre Erkenntnis: Die Erbsubstanz der drei Nicht-Afrikaner (ein Han-Chinese, ein Franzose, ein Papuaner) enthält zwischen 1 und 4 Prozent Neandertaler-DNA, im Schnitt 2,5 Prozent. „Neandertaler haben sich wahrscheinlich mit frühen modernen Menschen vermischt, bevor Homo sapiens sich in Europa und Asien in verschiedene Gruppen aufspaltete", deutet Pääbo das Ergebnis.

· Dezember 2010: Ein Team um MPI-EVA-Forscher und den Harvard-Genetiker David Reich publiziert die Gen-Sequenz einer weiteren, bisher unbekannten archaischen Menschenform – gewonnen aus einem 40 000 Jahre alten Fingerglied, das in der sibirischen Denisova-Höhle ans Licht gekommen war (siehe Beitrag „Ein Phantom tritt aus dem Schatten" ab Seite 22). Vergleiche der archaischen „ Denisovaner"-DNA mit dem Erbgut heutiger Menschen zeigen: Einwohner von Papua-Neuguinea und der vorgelagerten Insel Bougainville sowie australische Ureinwohner (Aborigines) tragen – zusätzlich zu den 2,5 Prozent Neandertaler-Hinterlassenschaft – obendrein 5 Prozent Gene vom Denisova-Menschen in sich. Insgesamt also: bis zu 7,5 Prozent archaische DNA.

· September 2011: Eine amerikanische Arbeitsgruppe um den Genetiker Michael Hammer, University of Arizona in Tucson, lenkt den Blick auf den Schwarzen Kontinent. „Wir haben Hinweise auf eine Hybridisierung zwischen modernen und archaischen Menschenformen in Afrika", sagt Hammer auf einer Pressekonferenz anlässlich der Veröffentlichung seiner Ergebnisse im Fachblatt PNAS. Der US-Forscher beziffert den Anteil archaischer DNA in der heutigen afrikanischen Bevölkerung auf 2 bis 3 Prozent. „Unsere Linie hat schon immer Gene mit morphologisch andersartigen Nachbarn ausgetauscht", vermutet er.

PAARUNGSPARTNER VON VORGESTERN

„Morphologisch andersartig" riecht nach einer kräftigen Untertreibung. Die von Hammers Team rekonstruierte Vermischung soll vor rund 35 000 Jahren stattgefunden haben. Paarungspartner war eine inzwischen ausgestorbene Menschenform, die sich bereits vor 700 000 Jahren von der Entwicklungslinie der anatomisch modernen Menschen getrennt hatte. Fossilien aus jener Epoche – etwa ein in Bodo/Äthiopien entdeckter 600 000 Jahre alter Schädel mit kräftigem Überaugenwulst – belegen: Das waren Populationen irgendwo in der Übergangszone zwischen Homo erectus und früharchaischem Homo sapiens.

Dieser dritte Streich – die Erweiterung der Ahnenreihe um archaische Afrikaner – unterschied sich methodisch grundlegend von den ersten beiden. Die Spuren der Neandertaler und Denisovaner waren ans Licht gekommen, weil in beiden Fällen die archaische DNA aus fossilen Knochen rekonstruiert worden war und sich danach mit der DNA heutiger Menschen vergleichen ließ. Doch für Hammers Arbeitsgruppe lag die Chance, in afrikanischen Fossilien archaische DNA zu finden, praktisch bei null. In dem tropischen bis subtropischen Klima zerfällt sie zu rasch.

„Daher haben wir uns die DNA moderner Menschen in heutigen afrikanischen Populationen angeschaut und nach ungewöhnlichen Regionen in ihren Genomen gesucht", beschreibt Hammer den Ansatz seines Teams. Statistische Verfahren und Computersimulationen dienten als „Zeitmaschine", um – von einer rekonstruierten archaischen DNA ausgehend – unterschiedliche Szenarien der Vermischung durchzuspielen. Die Ergebnisse verglichen die Forscher mit dem Erbgut von drei relativ isolierten afrikanischen Bevölkerungsgruppen: Biaka, Mandenka und San.

KREUZUNG ERST VOR 35 000 JAHREN

Bei 3 von den 61 betrachteten Gen-Orten stieß Hammers Arbeitsgruppe auf archaisch anmutende DNA-Sequenzen, die erst vor geschätzten 35 000 Jahren in die Genome der heutigen Afrikaner gelangt sein konnten. Für die Bestimmung dieses Zeitpunktes ist nicht nur die Sequenz-Länge ein Indikator, sondern auch die Art der Verlinkung auf dem betreffenden Chromosom: Mit jeder neuen Generationsfolge werden durch sogenannte Rekombinationen große DNA-Abschnitte in immer kleinere Bruchstücke „zerhackt" und umgelagert, zunächst entlang eines Chromosoms, später querbeet durchs Genom.

Die drei als „verdächtig" identifizierten DNA-Stücke verglichen Hammer und seine Arbeitsgruppe mit den entsprechenden Gen-Orten bei 502 Afrikanern aus Bevölkerungen südlich der Sahara. In den Baka und den Mbuti – Pygmäen in Zentralafrika – kommen die vermutlich archaischen DNA-Sequenzen mit Durchschnittswerten zwischen 1,6 und 3,6 Prozent am häufigsten vor, gefolgt von den früher als „Buschmänner" bezeichneten San in Südafrika. Meistens findet sich in einer betrachteten Bevölkerungsgruppe lediglich eine der drei archaischen Sequenzen. Die einzige Population mit allen drei Sequenzen sind die Mbuti-Pygmäen im östlichen Regenwald der Demokratischen Republik Kongo. „Da liegt der Gedanke nahe, dass Zentralafrika auch das Verbreitungsgebiet der heute ausgestorbenen archaischen Menschenform war, die sich mit den Modernen mischte", folgert Hammer.

Eine Vermischung von archaischen und modernen Menschen in Afrika hält auch Chris Stringer für

wahrscheinlich. Dazu muss der britische Paläontologe vom Natural History Museum in London nicht auf Computersimulationen zurückgreifen. Er hat ein handfestes Argument – einen Schädel, den Archäologen der University of Ibadan 1965 mit weiteren Skelettteilen im Südwesten Nigerias ausgegraben haben und den Stringer in- und auswendig kennt.

EIN SCHÄDEL WIE EIN RUGBY-BALL

Iwo Eleru heißt die Fundstätte am Fuß einer überhängenden Felswand. Die Radiokarbon-Datierung von Holzkohle aus der prähistorischen Feuerbestattung ergab ein Alter von 13 000 Jahren – was unglaubhaft erschien. Denn der Schädel, den Stringer für seine Doktorarbeit untersuchte, beeindruckt durch einen wilden Mix aus modernen und archaischen Merkmalen. Modern ist beispielsweise der nur kleine Überaugenwulst, archaisch hingegen das flache, langgestreckte Schädeldach, das an einen Rugby-Ball erinnert. Dieses Fossil sieht viel älter aus, als die Datierung angab.

2011 wollte man es mithilfe neuer Methoden ganz genau wissen. Im September veröffentlichte eine Arbeitsgruppe um die Paläoanthropologin Katerina Harvati von der Universität Tübingen – Stringer war mit dabei – eine neue dreidimensionale morphometrische Analyse des Iwo-Eleru-Schädels, der mit den Maßen von Dutzenden anderer heutiger und prähistorischer Schädel verglichen wurde. Außerdem beschlossen die Forscher eine Uran-Thorium-Neudatierung. Ergebnis: Der seltsame Fund aus Nigeria ähnelt zwar in seinen Maßen am meisten dem 140 000 Jahre alten Ngaloba-Schädel aus dem tansanischen Laetoli – aber er ist tatsächlich nur 13 000 Jahre alt. Die Radiokarbon-Datierung war völlig korrekt.

Die frühesten Funde moderner Menschen sind 200 000 Jahre alt. „ Wir haben nicht erwartet, dass es so lange nach dem ersten Auftreten moderner Menschen noch archaische gab", zieht Stringer im Fachblatt „Science" Bilanz. „Afrika hatte offenbar keine einfache Geschichte in der Weise, dass plötzlich moderne Menschen erschienen und gleichzeitig alle anderen verschwanden." Die Iwo-Eleru-Fossilien könnten von einem spätarchaischen Menschen stammen oder von einem Mischling aus archaischem und modernem Menschen, folgert der britische Forscher.

Weiteren Vermischungen ist auch Michael Hammer in seinem Labor in Arizona auf der Spur. Er wittert, dass die 2 bis 3 Prozent archaische DNA, die sein Team in Afrika gefunden hat, nur die Spitze eines Eisbergs sind: „Der Rest, der von einem sehr viel ausgedehnteren archaischen Erbe übrig geblieben ist", spekuliert er. Als Nächstes will er mit seiner Arbeitsgruppe speziell nach solchen alten DNA-Regionen suchen, die den modernen Menschen Selektionsvorteile gebracht haben könnten.

WAndern von pool zu pool

Das ist eine Idee, die den eingangs zitierten John Hawks bereits seit mehr als fünf Jahren umtreibt. „Adaptive Introgression" und „Selektion" sind die zentralen Schlagwörter, mit denen er in Vorträgen, Veröffentlichungen und einem eigenen Blog im Internet (siehe „Mehr zum Thema") für seine Hypothese wirbt. Kurz zusammengefasst: In der belebten Natur kommt es immer wieder vor, dass einzelne Varianten von Genen – sogenannte Allele – über Arten- oder Unterarten-Grenzen hinweg vom Gen-Pool der einen Population in den der anderen wandern (Introgression). Wenn diese Allele in der Empfänger-Population einen Überlebens- und damit Reproduktionsvorteil mit sich bringen (Adaptive Introgression), werden sie bevorzugt weitervererbt und daher immer häufiger (Selektion).

Dieser Mechanismus, soweit Hawks' Hypothese, habe seit Urzeiten auch bei Kontakten zwischen unterschiedlichen Menschenformen funktioniert: Bei den allfälligen sexuellen Kontakten („Lebende Organismen paaren sich nun mal") seien immer wieder nützliche Allele weitergegeben worden. So hätten sich auch archaische Gen-Varianten, weil vorteilhaft, im Gen-Pool der modernen Menschen

verbreitet – bis in die Gegenwart.

Für diese zunächst rein theoretische Annahme wurde Hawks oft mit Häme bedacht. Doch seit der Veröffentlichung eines Teams um Laurent Abi-Rached und Peter Parham vom August 2011 in „Science" lacht keiner mehr. „Adaptive Introgression durch archaische Allele hat die modernen menschlichen Immunsysteme wesentlich geprägt" – so fassen Abi-Rached und Parham, beide Immunologen an der Stanford University School of Medicine, ihre Arbeit zusammen.

SCHNUPPERKURS FÜR KILLERZELLEN

Sie hatten dazu das sogenannte HLA-Klasse-I-System heute lebender Menschen aus aller Welt unter die Lupe genommen. HLA steht für „Human Leukocyte Antigen", ein ebenfalls gebräuchliches Synonym dafür ist das Kürzel MHC für „Major Histocompatibility Complex" (siehe bild der wissenschaft 11/2011, „Die evolutionäre Wurmkur"). Diese länglichen Bezeichnungen vergaben Genetiker für eine bestimmte Region auf dem menschlichen Chromosom Nummer 6. Sie enthält die Baupläne für Eiweißmoleküle, die spezifisch Teile von Viren und Bakterien an sich binden und sie unserer Immunabwehr präsentieren können. Körpereigene T- Zellen und Killerzellen „schnuppern" an den präsentierten Bruchstücken der Krankheitskeime und gehen danach überall im Organismus auf die eingedrungenen Feinde los.

Abi-Rached und Parham verglichen diese Gen-Orte in Menschen aus Afrika, Europa, Asien und Ozeanien mit den entsprechenden DNA-Sequenzen in den Genomen von Neandertaler und Denisova-Mensch. Sie stießen dabei auf einen frappierend hohen Anteil von Allelen, die nach ihrer Überzeugung auf diese beiden archaischen Menschenformen zurückgehen – und die wohl nur durch Kreuzung mit ihnen ins Erbgut des modernen Menschen gekommen sein können.

Wie zu erwarten ist, konzentrieren sich die auf Denisovaner zurückgehenden Allele in Südostasien und Melanesien, während die Neandertaler-Allele in ganz Eurasien zu finden sind. Die Prozentsätze beeindrucken: Im HLA-Klasse-I-System der Europäer sind über 50 Prozent archaisches Erbe, in dem der Asiaten mehr als 70 Prozent. In manchen Menschen in Papua-Neuguinea summieren sich die archaischen Immun-Gene sogar auf 95 Prozent.

Für die Einwanderer aus Afrika waren schon wenige Nachkommen aus Paarungen mit einheimischen archaischen Menschen „ein schneller Weg, um neue, vorteilhafte HLA-Varianten zu erwerben", schreiben die Stanford-Genetiker. „Die HLA-Klasse-I-Gene der Neandertaler und Denisovaner hatten sich mehrere Hunderttausend Jahre lang an die örtlichen Krankheitserreger in Europa beziehungsweise Asien angepasst", begründet Peter Parham. Weil diese Immun-Gene einen signifikanten Überlebens- und Reproduktionsvorteil darstellten, vermehrten sie sich durch Selektion in den wandernden Gruppen zu hohen Prozentzahlen.

KONKURRENZ DER ERKLÄRUNGEN

John Hawks freut sich über die Resultate der Stanford-Immunologen. „Die Gene des Immunsystems waren ein sehr wahrscheinlicher Ort, wo so etwas zu finden sein würde – wenn überhaupt irgendwo, dann dort." Trotzdem ist er vorsichtig: „Es könnte noch eine andere Erklärung für die archaischen HLA-Gene geben – falls nämlich vor der großen Wanderung der Afrikaner bereits in Afrika viele unterschiedliche, teils sehr alte Allele existiert haben sollten." Die Suche nach alten HLA-Varianten in afrikanischen Bevölkerungsgruppen läuft gerade.

Hawks sieht eine neue Ära in der Evolutionsforschung des Menschen angebrochen. Der traditionelle Art-Begriff sei hinfällig geworden. Eine biologische Art, so heißt eine der bisher anerkannten Definitionen, ist eine geschlossene Fortpflanzungsgemeinschaft, die miteinander fruchtbare Nachkommen zeugen kann – und mit benachbarten Arten nicht. Wie sinnvoll ist es also, separate Art-Namen wie „Homo heidelbergensis", „Homo rhodesiensis" oder „Homo antecessor" zu vergeben – wenn sich doch alle mit allen gekreuzt und somit derselben Art angehört haben?

„Säugetier-Arten errichten nicht so rasch eine Reproduktionsbarriere", unterstreicht John Hawks. „Bei ihnen dauert es zwei bis zehn Millionen Jahre, bis zwei Arten derselben Gattung keinen fruchtbaren Nachwuchs mehr haben können. In den nur 2,5 Millionen Jahren, die die Gattung Homo existiert, hat keine einzige Primaten-Art eine Reproduktionsbarriere gegenüber einer benachbarten hochgezogen."

Wölfe können mit Kojoten fortpflanzungsfähige Nachkommen zeugen und Löwen mit Tigern. Für Hawks ist die Sache klar: Wann auch immer archaische und moderne Menschen miteinander in Kontakt kamen, paarten sie sich und setzten Kinder in die Welt – in eine Welt der Mischlinge.

von Thorwald Ewe